



Doktorat w Krakowie ?

<http://www.zap-uj.pl>

Doktorant/ka poszukiwany/a

Celem projektu jest uzyskanie gęstej mapy genetycznej

dla krzyżujących się ze sobą w naturze kumaków *Bombina bombina* i *Bombina variegata*. Mapa taka posłuży w przyszłości do rozwikłania zależności między selekcją a przepływem genów w różnych regionach genomu aby:

1. poznać genetyczne podstawy specjacji,
2. określić jaką rolę odgrywa ogromne zróżnicowanie ekologiczne w tym procesie.

Znajomość tych kluczowych w biologii ewolucyjnej procesów jest nadal fragmentaryczna; pochodzi głównie z badań taksonów na bardzo wczesnym etapie procesu specjacji lub całkowicie od siebie izolowanych rozrodzco.

Europejskie kumaki, *Bombina*, stanowią intrygującą zagadkę. Zróżnicowały się dawno (pliocen), posiadają odmienne adaptacje do różnych siedlisk - różniąc się szerokim zestawem cech fenotypowych - jednak nadal wytwarzają liczne, płodne mieszańce w wąskich strefach kontaktu, wszędzie tam gdzie zasięgi ich się stykają. Mapa sprzężeń posłuży do testowania teoretycznych przewidywań o rozmieszczeniu miejsc/loci podlegających selekcji w całym genomie, które mogą być odpowiedzialne za utrzymywanie się odrębności gatunków mimo hybrydyzacji. Projekt przeniesie klasyczny model ewolucyjny w nową erę genomiki otwierając rozmaitym badaniom szeroką perspektywę.

W szczególności, zamierzamy zmapować ok. 5 000 SNP w DNA wokół miejsc restrykcyjnych (tzw. RAD-seq) u potomstwa pokolenia F_2 posiadanych mieszańców F_1 . Dodatkowo, analiza histologiczna gonad pozwoli określić płeć potomstwa F_2 i zmapować lokalizację genów determinujących płeć (tj. enigmatyczną grupę genów u płazów i większości owodniowców), genów nierzadko powiązanych z procesem specjacji.

Zmapowanie polimorfizmów RAD-seq w stosunku do scharakteryzowanych przez nas transkryptomów kumaków pozwoli badać konserwatywne grupy synteniczne genów płazów poprzez ortologię genów znanych dla genomu żab szponiastych *Silurana*, *Xenopus*, żaby dalekowschodniej *Nanorana* jak i innych kręgowców. Uzyskanie mapy genetycznej dla kumaków, pozwoli także poznać lokalizację niektórych transkryptów badanych we wcześniejszym projekcie, dostarczy nowych, gatunkowo specyficznych markerów o znanej lokalizacji i częstości rekombinacji między nimi, użytecznych m.in. w badaniu struktury genetycznej modelowej strefy mieszańcowej kumaków. Innym aspektem jest identyfikacja syntenicznych grup genów kręgowców.

Oczekiwania: znajomość podstawowych technik molekularnych
umiejętności bioinformatyczne
zainteresowanie biologią ewolucyjną

Oferujemy stypendium

prof. dr hab. **Jacek M. Szymura** Instytut Zoologii UJ jacek.m.szymura@uj.edu.pl

<http://www.binoz.uj.edu.pl/dydaktyka/studia-doktoranckie-biologia/rekrutacja>